

Table S1. Estimates of Evolutionary Divergence between *flaB* Sequences (304 bp)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24
1 <i>Candidatus B. kalaharica</i>																								
2 gi 19570414 gb AB057547.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _strain_TnB	0,010																							
3 gi 37805784 gb AB105118.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:Tnf1	0,010	0,000																						
4 gi 45259468 gb AB105169.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:EM14	0,013	0,003	0,003																					
5 gi 37805812 gb AB105132.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:Tnh181	0,013	0,003	0,003	0,007																				
6 gi 576100539 gb CP005830.1 <i>Borrelia_anserina</i> _BA2	0,055	0,051	0,051	0,055	0,055																			
7 gi 119861577 gb CP000049.1 <i>Borrelia_turicatae</i> _91E135	0,065	0,065	0,065	0,069	0,062	0,069																		
8 gi 576098524 gb CP005851.1 <i>Borrelia_parkeri</i> _SLO	0,065	0,065	0,065	0,069	0,062	0,076	0,013																	
9 gi 345295288 gb JN402326.1 <i>Borrelia_sp</i> _clone_AP174	0,069	0,069	0,069	0,073	0,065	0,080	0,020	0,027																
10 gi 201084691 gb CP000993.1 <i>Borrelia_recurrentis</i> _A1	0,073	0,077	0,077	0,073	0,073	0,084	0,084	0,091	0,088															
11 gi 201083369 gb CP000976.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _Ly	0,073	0,076	0,076	0,073	0,073	0,084	0,084	0,091	0,088	0,007														
12 gi 37805808 gb AB105130.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:Tnh16	0,073	0,076	0,076	0,073	0,073	0,084	0,084	0,091	0,088	0,007	0,000													
13 gi 37805782 gb AB105117.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:Tnf18	0,076	0,080	0,080	0,076	0,076	0,088	0,088	0,095	0,092	0,010	0,003	0,003												
14 gi 37805804 gb AB105128.1 <i>Borrelia_duttonii</i> _isolate:Tnh20	0,076	0,080	0,080	0,076	0,076	0,088	0,088	0,095	0,092	0,010	0,003	0,003	0,000											
15 gi 384934107 gb CP003426.1 <i>Borrelia_crocidurae</i> _Achema	0,076	0,080	0,080	0,077	0,077	0,081	0,080	0,087	0,092	0,010	0,010	0,010	0,013	0,013										
16 gi 300086788 gb GU357612.1 <i>Borrelia_hispanica</i> _strain_Sp3	0,084	0,088	0,088	0,084	0,084	0,088	0,088	0,095	0,099	0,024	0,017	0,017	0,013	0,013	0,020									
17 gi 770587662 gb CP011060.1 <i>Borrelia_hermsii</i> _CC1	0,095	0,091	0,091	0,095	0,095	0,084	0,099	0,095	0,111	0,123	0,122	0,122	0,126	0,126	0,119	0,135								
18 gi 576102789 gb CP004217.1 <i>Borrelia Miyamotoi</i> _FR64	0,095	0,095	0,095	0,099	0,091	0,088	0,084	0,099	0,107	0,114	0,114	0,114	0,118	0,118	0,110	0,118	0,114							
19 gi 576093260 gb CP005745.1 <i>Borrelia coriaceae</i> _Co53	0,099	0,099	0,099	0,095	0,095	0,095	0,095	0,087	0,087	0,099	0,122	0,114	0,114	0,118	0,118	0,118	0,118	0,106	0,118					
20 gi 607196778 gb KF569936.1 <i>Borrelia theileri</i> _strain_KAT	0,106	0,114	0,114	0,110	0,118	0,114	0,126	0,129	0,142	0,118	0,118	0,118	0,122	0,122	0,114	0,122	0,149	0,099	0,121					
21 gi 34286386 gb CP002933.1 <i>Borrelia afzelii</i> _PKo	0,161	0,157	0,157	0,155	0,161	0,173	0,169	0,177	0,169	0,177	0,177	0,173	0,173	0,182	0,173	0,199	0,212	0,186	0,194					
22 gi 672590398 gb CP009117.1 <i>Borrelia valaisiana</i> _Tom4006	0,169	0,169	0,169	0,165	0,173	0,194	0,173	0,181	0,173	0,190	0,190	0,190	0,186	0,186	0,195	0,182	0,212	0,211	0,194	0,203	0,058			
23 gi 6626249 gb AE000783.1 <i>Borrelia burgdorferi</i> _B31	0,190	0,186	0,186	0,181	0,190	0,203	0,199	0,207	0,199	0,190	0,190	0,186	0,186	0,182	0,182	0,194	0,186	0,234	0,220	0,220	0,212	0,055	0,062	
24 gi 51572834 gb CP000013.1 <i>Borrelia bavariensis</i> _PBi	0,198	0,194	0,194	0,190	0,198	0,220	0,199	0,207	0,199	0,212	0,212	0,207	0,207	0,212	0,248	0,234	0,229	0,229	0,088	0,074	0,088			

The number of base substitutions per site from between sequences are shown. Analyses were conducted using the Kimura 2-parameter model [1]. The analysis involved 24 nucleotide sequences. Codon positions included were 1st+2nd+3rd+Noncoding. All positions containing gaps and missing data were eliminated. There were a total of 304 positions in the final dataset. Evolutionary analyses were conducted in MEGA5 [2].

1. Kimura M. (1980). A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. Journal of Molecular Evolution 16:111-120.

2. Tamura K., Peterson D., Peterson N., Stecher G., Nei M., and Kumar S. (2011). MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. Molecular Biology and Evolution 28: 2731-2739.